

(様式第 13 号)

## 学 位 論 文 要 旨

氏名: 平田 翔

題目: Evaluation of Genetic Diversity in Worldwide Germplasm Collection of Garlic  
(*Allium sativum* L.)  
(ニンニクの世界的遺伝資源コレクションにおける遺伝的多様性の評価)

---

ニンニク (*Allium sativum* L.) はネギ科ネギ属の栄養繁殖植物であり、世界中の食文化に多大なる影響を与え続けている香辛野菜である。2013年国際連合食糧農業機関 (FAO) 統計情報中のネギ属野菜のデータをみると、約2,480万トンのニンニク総生産量はタマネギに次いで高く、経済的にも重要な種であることが窺える。起源中心地は天山山脈北西部の中央アジア地域とされ、5000年以上の長い栽培の歴史をもち、栽培化が最初になされたと推定される古代エジプトでは既に人々の滋養と強壮に利用されていた。現在、ニンニクは低緯度から高緯度までの幅広い緯度帯で栽培と利用がなされているが、栽培範囲の拡大途中に遭遇した様々な環境変化に対応するために、遺伝的変異を蓄積していったと考えられる。起源中心付近のニンニク系統の中には、抽苔、開花および結実を正常に行う稔性系統が多数発見されており、繁殖様式を種子繁殖へ変換するための有望な育種素材とみなすことができる。また、稔性系統は既存の栽培種にはみられない土壌伝染性病害や高温・乾燥に対する抵抗性を有している可能性が高い。そこで、本研究では、ニンニク遺伝資源の農業生産利用を見据えて、世界に散在するニンニクの遺伝変異の様相を明らかにするとともに、その変異の中にみられる優良個体を選抜して新たな育種素材としての可能性を検討した。

山口大学附属農場において、世界各地から収集したニンニク遺伝資源 (103系統) を慣行栽培して抽苔特性を評価した結果、(a) : 完全に抽苔し小花を形成するもの、(b) : 完全に抽苔するが、小花は形成しないもの、(c) : 抽苔が生育途中で停止するもの、(d) : 全く抽苔しないもの、に分けられた。また、形成した鱗茎の内容成分について、刺激臭の前駆物質であるアリルシステインスルホキシド (AICSO) と機能性成分を含む総フェノールの含量をそれぞれ調査したところ、抽苔型毎に含量の多寡がみられた。すなわち、中央アジア地域由来のものに多く含まれる小花を形成するタイプでは、AICSO含量が高く、一方で、珠芽のみを形成するタイプでは、総フェノール含量が高くなっていた。このことから、花序の形態形成と鱗茎内化学成分の間に関連性があることが示唆された。ニンニクは各地へ伝播されていく過程の中で、可稔性から不稔性へ、そして完全抽苔型から不完全 - 非抽苔型へと生殖特性を変

化していったとされているが、本研究では鱗茎内の化学成分組成を変化させて、高い環境適応力を獲得していったことが示唆される新たな知見が得られた。さらに、根部における抗菌物質として知られるサポニン化合物の定量分析を実施したところ、系統間で含有量に違いがみられた。また、TLC（薄層クロマトグラフィー）によるサポニンの定性分析から、供試した系統において様々なサポニン化合物がみられ、広範な質的変異もみられることが確認された。これらのことから、ニンニクは、その長い栽培の歴史において、生殖様式、内容成分などの特性にみられる大きな変異を利用して異なる栽培環境に適応していったことが示唆された。

ニンニク遺伝資源の多様性を形態面から評価するために、上記と同様に栽培した植物体を用いて形態特性（花茎長、形成珠芽数、球重、球径、形成鱗片数および鱗片重量）ならびに生理生態特性（抽苔するまでの日数）に関する調査を実施した。また、上記の系統に日本産を加えた計140系統の遺伝資源を用いてアイソザイム分析を行い、集団遺伝学的解析を駆使してニンニク酵素多型の由来を検討した。形態および生理生態特性に関しては、花茎長や球重量などの特性について収集地域間で有意な差が認められた。アイソザイム分析の結果、ロイシナミノペプチターゼ（LAP）とホスホグルコイソメラーゼ（PGI）由来の三つのアイソザイム遺伝子座（*Lap-1*、*Lap-2*および*Pgi-1*）において明瞭な多型がみられた。これらの遺伝子座に関して、対立遺伝子の出現頻度を調査したところ、収集地域間で明確に異なることが明らかにされた。また、ヘテロ接合度を算出したところ、起源中心である中央アジアや二次起源地である地中海地域では高く、その他の地域では低くなる傾向がそれぞれみられた。収集地域間の遺伝的分化指数（ $G_{ST}$ ）は0.259となり、地域間でかなりの分化が進んでいることが示された。また、地中海南東部、東南アジアおよび日本の諸島由来の系統集団では、*Lap-1*と*Lap-2*において有意にハーディー・ワインベルグ平衡（HWE）から逸脱する現象がみられ、これらの地域にHWEを乱す因子（集団間の移動、遺伝子流動、自然、人為選抜など）が存在したことが推察された。本研究により得られた新たな知見により、ニンニクが起源中心地から生育範囲を拡大していく過程において、祖先集団があらかじめもっていた変異（standing variation）と拡大過程において蓄積していった突然変異の相乗効果により環境適応性が向上し、さらに、各地で抽苔性、球肥大性などの特性に関する人為選抜が行われたことで進化の方向性が栽培化へ向けて進んでいったことが示唆された。

以上より、ニンニク遺伝資源の形態、生理生態、化学内容成分ならびに酵素遺伝子に関する広範な多様性が見出され、同資源の中には機能性成分の生産能が高い系統や生物的・非生物的ストレスに対する抵抗性をもつことが期待される系統が含まれていた。今後、これらの有望系統をニンニクの新たな育種素材として活用することが期待される。